

1/7

TOP SECRET - DECODED 2001

Fig. 1a

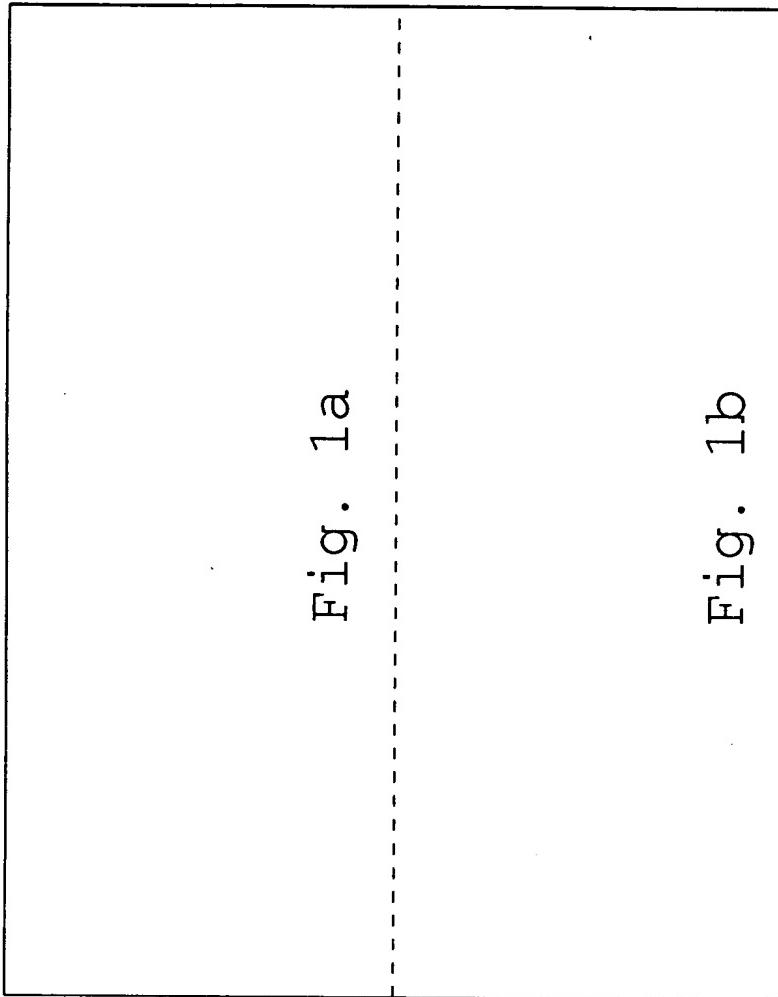


Fig. 1

三國志

SEQ ID NO:

Streptopain	1	MNKKKLGGIRELSSLALGCFVLANPVFA <u>DONFARNEKEAKD</u> SATEIQKSAAIKAGARSSE
prtT	1	-MKRIFYTGLLCLCPML-QACPVT <u>RSKA</u> EOTAKNFFAKRQ <u>P</u> TL-----SSESSTASERMD
Periodontain	1	-MKKSFLAIVMIF <u>C</u> TANMQGHSA <u>P</u> VTCERALS <u>L</u> A- <u>LA</u> RQWSLRMGQMAVSDKESTDY
Streptopain	61	DIKLDKVNLG---GELSGSNMYYVNI <u>TG-GF</u> YI <u>V</u> SGDKRSPEILGYSTS <u>C</u> SFDANGKE
prtT	55	VYK--AAER---EE---ALFEV <u>N</u> RG <u>E</u> K <u>D</u> GFI <u>L</u> VAA <u>D</u> DRFPEW <u>I</u> GYA <u>F</u> KGEFDAAREFP
Periodontain	58	VY <u>EQ</u> QGDAERGITS <u>Q</u> EESPAYFYVANRGNNEG <u>M</u> ALVAADDRI <u>P</u> ITIL <u>Y</u> SPIGRF <u>D</u> MDSMP
Streptopain	116	<u>N</u> -----IASMEESYVE <u>Q</u> IKEN <u>R</u> ELDTTYAGTAEIKQOP <u>V</u> KSL <u>L</u> D <u>S</u> KG <u>I</u> <u>H</u> YNOG
prtT	105	DNLRGW <u>L</u> KGYER <u>E</u> ML <u>A</u> M <u>D</u> GKA <u>P</u> IDE <u>P</u> REAKPT <u>R</u> DI <u>P</u> SSIA <u>P</u> TE <u>T</u> GEHA <u>S</u> D <u>P</u> I <u>L</u> W <u>D</u> Q <u>G</u> T
Periodontain	118	DNLRMW <u>L</u> Q <u>I</u> YD <u>Q</u> E <u>G</u> L <u>I</u> E <u>S</u> GKA <u>O</u> LN <u>E</u> IL <u>R</u> -----NG <u>H</u> AY <u>T</u> GCVATAAA <u>Q</u> IMRYH <u>SW</u> PL <u>Q</u> EG <u>E</u> SDYHAG <u>S</u> LV <u>G</u>
	*	
Streptopain	164	NP <u>Y</u> NLLTP <u>P</u> TEKV <u>K</u> P <u>G</u> EQ <u>Q</u> SFV <u>G</u> Q <u>H</u> A <u>T</u> GCVATATA <u>Q</u> IM <u>R</u> YHN <u>Y</u> PN <u>K</u> GL <u>K</u> D <u>Y</u> TY <u>T</u> L <u>S</u> NN <u>P</u>
prtT	165	Y <u>P</u> EN <u>T</u> LHP <u>L</u> LP-----S <u>Q</u> QAY <u>T</u> GCVATAM <u>E</u> QIM <u>R</u> HYK <u>W</u> PE <u>K</u> AS <u>G</u> HEY <u>D</u> Y <u>U</u> DD <u>M</u> T <u>G</u> T
Periodontain	175	Y <u>P</u> WN <u>N</u> KE <u>P</u> LL <u>P</u> -----NG <u>N</u> HA <u>T</u> GCVATAAA <u>Q</u> IMRYH <u>SW</u> PL <u>Q</u> EG <u>E</u> SDYHAG <u>S</u> LV <u>G</u>
	*	
Streptopain	224	YFNH <u>P</u> KN <u>L</u> E <u>A</u> NI <u>S</u> TR <u>Q</u> YN <u>M</u> N <u>I</u> L <u>P</u> TY <u>S</u> GR-E <u>SN</u> -----SELMA <u>D</u> V <u>G</u> I <u>S</u> V <u>D</u> MD <u>Y</u> CP <u>S</u> SG <u>S</u>
prtT	216	HT-----H <u>S</u> G <u>T</u> F <u>G</u> ET <u>Y</u> N <u>W</u> S <u>K</u> MP <u>G</u> N <u>I</u> S <u>V</u> - <u>I</u> SP <u>E</u> EV <u>K</u> AI <u>S</u> TE <u>F</u> MR <u>D</u> V <u>S</u> F <u>S</u> V <u>N</u> M <u>Q</u> F <u>A</u> ND <u>F</u> G <u>S</u> G
Periodontain	226	N-----MSGTF <u>G</u> EM <u>Y</u> D <u>W</u> INMP <u>G</u> N <u>P</u> D <u>D</u> DN <u>T</u> OS <u>Q</u> V <u>D</u> AY <u>A</u> TL <u>M</u> R <u>D</u> V <u>S</u> A <u>S</u> V <u>S</u> M <u>F</u> Y <u>E</u> NG <u>S</u> G
	*	
Streptopain	283	AG <u>S</u> SRV <u>Q</u> RALK <u>E</u> NG <u>Y</u> NO <u>Q</u> S <u>V</u> -----Q <u>I</u> N <u>R</u> S <u>D</u> E <u>S</u> K <u>Q</u> D <u>W</u> EA <u>Q</u> ID <u>K</u> EL <u>Q</u> N <u>Q</u> P <u>V</u> Y <u>Y</u> Q <u>G</u> V <u>G</u> K <u>V</u> GG <u>H</u> A <u>F</u>
prtT	270	TE <u>S</u> VER <u>A</u> LT <u>E</u> TF <u>Y</u> K <u>S</u> LR <u>Y</u> II <u>H</u> RS <u>L</u> PG <u>K</u> EW <u>ED</u> MI <u>R</u> KE <u>A</u> EN <u>R</u> P <u>V</u> Y <u>Y</u> AG <u>A</u> D <u>G</u> S <u>M</u> G <u>H</u> A <u>F</u>
Periodontain	279	TY <u>S</u> W <u>M</u> V <u>G</u> AL <u>R</u> N <u>F</u> ER <u>Y</u> K <u>E</u> SL <u>Q</u> HL <u>V</u> R <u>A</u> L <u>T</u> S <u>Q</u> E <u>W</u> ED <u>DM</u> IR <u>G</u> EL <u>A</u> S <u>G</u> R <u>P</u> V <u>Y</u> Y <u>A</u> G <u>NN</u> Q <u>S</u> IG <u>H</u> A <u>F</u>
	*	
Streptopain	343	VID <u>G</u> AD <u>G</u> R <u>N</u> E <u>X</u> HN <u>W</u> G <u>G</u> G <u>V</u> S <u>D</u> G <u>F</u> FR <u>D</u> A <u>N</u> P <u>S</u> AL <u>G</u> T <u>G</u> G <u>A</u> GG <u>G</u> F <u>G</u> NG <u>Y</u> Q <u>S</u> A <u>V</u> G <u>I</u> <u>K</u> P-----
prtT	330	V <u>C</u> D <u>G</u> Y <u>E</u> PD <u>G</u> T <u>F</u> H <u>F</u> N <u>W</u> G <u>G</u> G <u>W</u> S <u>N</u> G <u>N</u> F <u>Y</u> L <u>N</u> P <u>G</u> S <u>L</u> G <u>T</u> <u>R</u> <u>A</u> G <u>D</u> G <u>G</u> <u>Z</u> <u>S</u> T <u>D</u> QE <u>W</u> V <u>E</u> G <u>I</u> <u>E</u> P <u>A</u> KT <u>P</u>
Periodontain	339	V <u>C</u> D <u>G</u> Y <u>A</u> SD <u>G</u> T <u>F</u> H <u>F</u> N <u>W</u> G <u>G</u> G <u>V</u> S <u>N</u> G <u>F</u> <u>Y</u> K <u>L</u> T <u>L</u> S <u>P</u> <u>N</u> SL <u>G</u> <u>I</u> <u>G</u> <u>E</u> <u>T</u> <u>I</u> <u>O</u> <u>E</u> <u>U</u> <u>T</u> <u>G</u> <u>I</u> <u>E</u> P <u>A</u> KT <u>P</u>

Fig. 1a

prtT	390 VP-GIVPDP <u>T</u> TYG <u>T</u> OHNMSDE- <u>L</u> D <u>S</u> VKIKNYSTYAGD <u>KL</u> <u>I</u> YR ^U TLPPNGTETTNPA	prtT	448 V <u>N</u> PIVWEDIIGESTGNIT <u>T</u> PCSQFAEGRTNT <u>T</u> LYRTDGMDARE <u>T</u> HILMGLVNKIEV
Periodontain	399 AEAGTDALPI <u>L</u> ALK <u>E</u> AEAYKSE <u>G</u> SGLN <u>M</u> GYSIYTGEEQSN <u>D</u> IGYRLNKADGEVIEVKT	prtT	459 S <u>N</u> INISWYG-YGEHPESF <u>S</u> APNQQLSQGIN <u>T</u> LYRRTGTEQMEPYRAQGGYVNSIKV

prtT 508 TMPAGDVAYSVAD --- ARTVIEKDGSSLHDILKAYSDCKESEATVYNNPGTEFIRTSRVTFALRN
518 NTTDPNNVVVTVDNNEGELESIVPNNSEVADLNSEYHSTLQFNNSDSDPDEIRTPVAFALST

prtT	565	- - TEGR T YFLGRH D VE E HPGDEDGEK V SL T ITGE K ARAGQYMLVCTGD M ESL M EDAS W IE	623	FA S TEVAEHTSTHSSLLVASNPQIDLLT N H R ANP E T L P T F S T T NEGGAT E SGK T E T V A I K
Periodontain	578	GATADD M ISL G W V MAEV P GG S N-Y P V V WSKD V LT L SEG D YT L WYRF S EN-NQKDEM W KK	635	IC S V S V K T P T E Y H N Q T S T Y EDMAHNRVL P DF T DKNLG-LP F N G E V V W FRQ
				↑

Port 801 GRMQLUSTKTESADMRLDVERLPKGTYINVVVEDMVGKFIR-
Periodontal 803 GRMQLVMKNSSEASCHGRMDVSRLPNGAYTEKVDGYTTEKLNIVH

1b

4/7

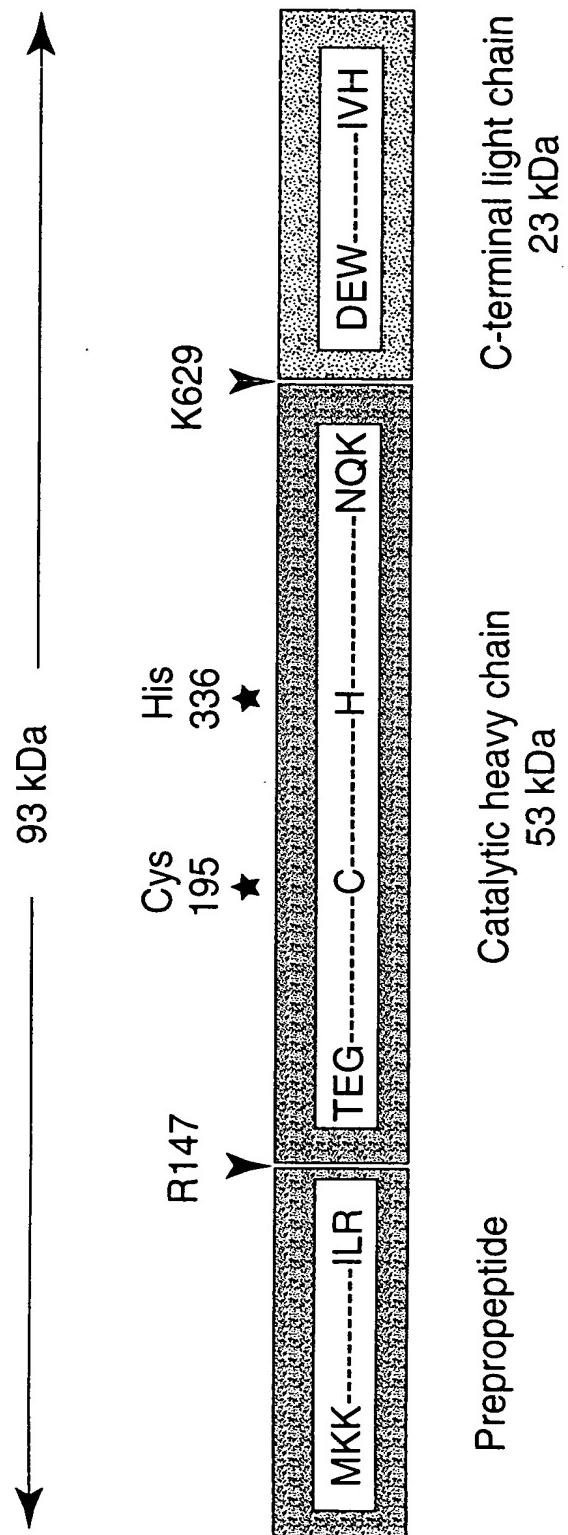


Fig. 2

5/7

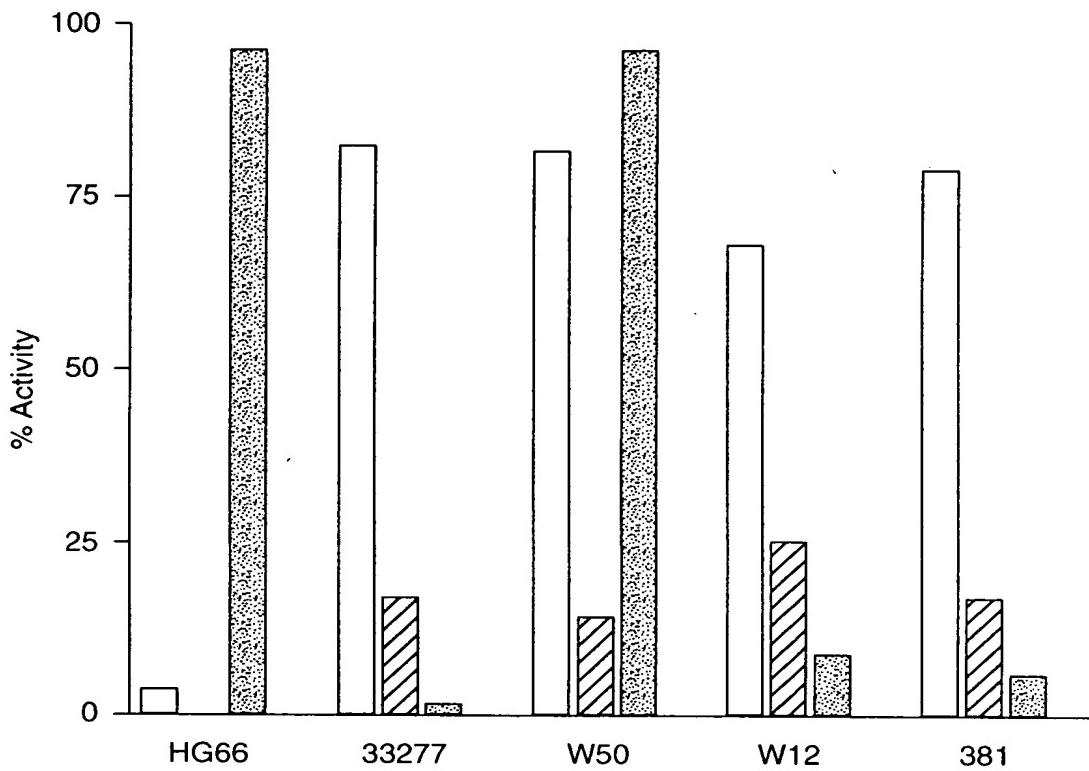


Fig. 3

6/7

MPSSVSWGILLAGLCCLVPVSLAEDPQGDAAQKTDTSHHDQDHP
TFNKITPNLAEFAFSLYRQLAHQSNSNTNIFSPVSIATAFAMLSLGTKADTHDEILEG
LNFNLTEIPEAQIHEGFQELLRTLNQPDSQLQLTTGNGLFLSEGLKLVDKFLEDVKKL
YHSEAFTVNFGDTEEAKQINDYVEKGTQGKIVDLVKELDRDTVFALVNYIFFKGKWE
RPFEVKDTEEEDFHVDQVTTVKVPMMKRLGMFNIQHCKKLSSWVLLMKYLGNAIAIFF
LPDEGKLQHLENELTHDIITKFLENEDRRSASLHLPKLSITGYDLKSVLGQLGITKV
FSNGADLSGVTEEAPLKLASKAVHKAVLTIDEKGTEAAGAMFLEAIPMSIPPEVKFNKP
FVFLMIEQNTKSPLFMGKVVNPTQK

SEQ ID NO:3

Fig. 4

10/03030101

GAMFLEAI PMSIPPE

SEQ ID NO:4

Fig. 6

7/7

Fig. 5

ATGAAAAAAAAGTTCTTTAGCCATAGTAATGCTCTTGGCATGCCATGCAGGGACAT
TCTGCTCCGGTTACGAAAGAGCGAGCTTGAGTCGGCTCGGCTGGCTTGCAGAGGTA
TCCTTGCAGATGGGACAAACAGCAGTATCTGACAAGATTTCCATCGATTACGTTATCGG
CAAGGAGATGCTGAGAGGGGTATCACATCACAAAGAGGAAGGCTCCTGCATATTTTAT
GTAGCTAATCGTGGAAATAATGAGGGCTATGCTCTGTAGCAGCAGATGACAGAATACCG
ACAATTTAGCCTATTCAACCATTGGCGTTGACATGGACAGTATGCCGACAATCTT
CGCATGTGGCTACAAATTACGATCAGGAAATAGGCCTGATACTTCCGGAAAAGCTCAG
CTCAATGAAGAGATATTACGTACCGAGGGCGTACCGGCTGAAGTACATGCTCTGATGGAT
AACGGTCATTTGCCAACGATCCCAGCGATGGAATCAAGGTTACCCATGGAACAATAAG
GAACCACTGCTTCCTAATGGCAATCATGCCTATACCGGCTGTGCTACTGCTGCAGCA
CAAATCATGCGCTACCATAGCTGGCCGTTCAAGGTGAAGGCTTTGATTATCATGCA
GGTTCATAGTTGGCAACTGGTCCGGCACATTGGTGAATGTACGACTGGATCAATATG
CCCGAAATCCGACCTTGATAATCTGACTCAATCTCAAGTGGATGCCAACACTG
ATGCGTGTGAGTCATCTGTTGATGAGTTTATGAAAATGGAAGTGGTACGTAC
AGCGTTATGTAGTAGGAGCCTGCGAAACAACATTGCTACAGCGTTACTGCAGCTA
CATGTACGCGCCTTATATACCTCACAGGAGTGGCACGATATGATCCGGGGAACTTGCC
TCCGGAAGGCCGGTCTATTATGCAAGGAAATAACCAGAGCATAGGACATGCTTCGTTGC
GATGGTTATGCTCGGATGGTACTTCCATTCAACTGGGTTGGGAGGTGTTCCAAC
GGCTTCTACAAACTAACACTCCCTCGCCGACTTCGTTGGTATGGAGGTGAGGGAAATA
GGTTTACCATTTATCAAGAGATCATCACCGGTATCGAACCGGCTAACAGACTCCGCTGAA
GCCGGTACAGATGCGCTTGGCAGTCTGGCACTGAAAGACATAGAAGCCAGTATAAAGT
GAATCCGGATTGAACGTAGGGTATTGATATATAATACAGGTGAAGAGCAATCAAATCTT
GACCTCGGATACAGATTGAACAAGGCTGACGGAGAAGTCATAGAGGTGAAAACCTCATCT
ATCAATATCTTGGTACGGATACGGAGAGCATCCGAGAGTTCTCATTGGCACCTAAT
CAGTTGTACAAGGAATCAACACCATCACCTACTTTATCGTCGCACAGGCACCGAACAG
TGGGAGCCGGTACGGCATGCACAGGGAGGATATGTCATAGCATTAAGTAAATACGACA
GACCGAACATGTCGTAGTCACGGTAGATAATAACGAAGGCAAGCTCAGTATGTC
AACAGCTTGTGCGAGATCTGAAATTCTTATGAAACATAGTACGATTACAGTACAGTTCAAT
AGCGACAGCCCTGATGAGATCCGTACACCCGTAGCCTTGCTCATCTACAGGAGCTACT
GCGGACGATGTAATATCTTGGCTGGTAATGGCTGAAGTTCCGGCGGTAGCAGCAAC
TATCCGGTGGTTGGTCTAAAGACGTTCTCACCTCTCGGAAGGCAGTATACATTGTGG
TATAGATTTCATCAACAACAAAAGGATGAAATGGAAAAAGATCGGAAGCGTGTCA
AAAACACCGACAGAGTATACGCACCCCTTATTGCAAGTGGGCCATAATCAAACCTCTACC
TATACGCTGGATATGGCACACAACAGAGTATTGCCGACTTTACACTAAAAATCTCGGA
TTGCCTTCAATGGTAGTTGGTTGTTGTTCCGCCAACACAATCCTCATCGGGTCT
TTATGGGCAGCTCAAGAAACAGTACATATCAAGCAAGGAGAAACTTCTGTTATATAACCT
GTTGTCGAAGGCCCTATACCTGATGGATCCTATCGTGCACCCCTCATGCAATTGTAAC
GGACAACAAACAGTTGTACCTCAAGGGAAAAGGAACATACACGGTGAAGATCGTCAATGGT
ACAGCGGTAGAAGCAATAGAATCGTCAGAAGAGATCAGAGTATTCCCTAATCCGGCACGC
GATTATGTGGAAATATCGGCACCTTGCAATTCCCCAAGAAACATCTATCATTCTTCGAT
CTGTCAGGCAAGATGTGATGAAGAATAGTTATCAGGGGGCATGGCAGAATGGATGTC
AGCCGACTTCCTAATGGGCCTACATCCTTAAGGTGGATGGATACGACGAAAATAAAT
ATAGTGCACTAA

SEQ ID NO: 2